



①9 BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENTAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**  
⑩ **DE 195 44 332 A 1**

⑤1 Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 12 Q 1/68**  
C 12 Q 1/70  
G 01 N 33/68

⑳ Aktenzeichen: 195 44 332.2  
㉑ Anmeldetag: 28. 11. 95  
㉒ Offenlegungstag: 5. 6. 97

DE 195 44 332 A 1

㉑ Anmelder:  
Deutsches Krebsforschungszentrum Stiftung des  
öffentlichen Rechts, 69120 Heidelberg, DE

㉒ Vertreter:  
Patentanwälte Dr. Bernard Huber, Dr. Andrea  
Schüßler, 81825 München

㉓ Erfinder:  
Debatin, Klaus-Michael, Dr., 69120 Heidelberg, DE;  
Herr, Ingrid, 75015 Bretten, DE

㉔ Entgegenhaltungen:  
Herr I. et al, Blood 86 (15. Nov. 1995) No.10, Supp.1  
S.639;

Prüfungsantrag gem. § 44 PatG ist gestellt

㉕ Verfahren zum Nachweis der Expression von CD95 Ligand in Zellen

㉖ Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur quan-  
titativen Bestimmung von CD95-Ligand, umfassend die  
folgenden Verfahrensschritte:

- (a) Isolierung von Gesamt-RNA aus Zellen
- (b) Umschreibung der Gesamt-RNA von (a) in cDNA durch  
reverse Transkription, und
- (c) Amplifikation der cDNA von (b) und eines CD95-Ligand-  
Kompetitor-Fragments durch CD95-Ligand spezifische Pri-  
mer in einer PCR-Reaktion.

Das Verfahren eignet sich zur Bestimmung des Ausmaßes  
und/oder Verlaufs von Apoptose.

DE 195 44 332 A 1

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

BUNDESDRUCKEREI 04. 97 702 023/80

7/24

## Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zum Nachweis der Expression von CD95-Ligand in Zellen.

Apoptose ist die B Zeichnung für den programmierten Zelltod. Dieser findet sich z. B. bei der Organentwicklung und Metamorphose, der Gewebeatrophie und Tumorregression. Apoptose ist mit einer Kondensation des Cytoplasmas, einem Verlust von Plasmamembranvilli, einer Segmentation des Kerns und extensivem Abbau chromosomaler DNA verbunden. Es hat sich gezeigt, daß Störungen der Apoptose bei verschiedenen Erkrankungen, wie AIDS, Autoimmunerkrankungen, Tumoren und Leukämien, auftreten. Bei AIDS scheint eine gesteigerte Apoptose für die starke Abnahme der CD4-T Zellen verantwortlich zu sein.

In aktivierten T-Zellen wie auch in anderen Zellen, findet sich ein mit CD95 bzw. APO-1 bezeichnetes Zelloberflächenprotein. An dieses Zelloberflächenprotein kann ein mit CD95-Ligand bzw. APO1-Ligand bezeichnetes lösliches oder Membrangebundenes Protein binden und die Induktion von Apoptose auslösen.

Das Ausmaß und der Verlauf von Apoptose sowie die diese verursachenden Moleküle können bisher nicht bestimmt werden. Dies wäre aber notwendig, um z. B. Verlaufskontrollen und geeignete Therapiemaßnahmen bei Patienten mit den zuvor genannten Erkrankungen durchführen zu können.

Der vorliegenden Erfindung liegt somit die Aufgabe zugrunde, ein Mittel bereitzustellen, mit dem das Ausmaß bzw. der Verlauf von Apoptose bestimmt werden kann.

Erfindungsgemäß wird dies durch die Gegenstände in den Patentansprüchen erreicht.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit ein Verfahren, mit dem CD95-Ligand, nachstehend mit CD95-L bezeichnet, in Zellen quantitativ bestimmt werden kann.

Die vorliegende Erfindung beruht auf der Erkenntnis der Anmelderin, daß Apoptose in T-Zellen durch eine erhöhte Menge von CD95-L versucht wird. Ferner fand die Anmelderin heraus, daß die Apoptoserate von der CD95-L Menge bestimmt wird.

Das erfindungsgemäße Verfahren ist eine quantitative "Polymerase Chain Reaction" (PCR), mit der die Menge von CD95-L in Zellen verlässlich bestimmt werden kann. Im erfindungsgemäßen Verfahren wird die in der Zelle vorhandene Menge von CD95-L mRNA durch eine RT-PCR-Reaktion bestimmt. Bei der quantitativen PCR für CD95-L wird die Menge von CD95-L cDNA durch Zugabe eines CD95-L spezifischen DNA-Kompetitor-Fragments in die PCR-Reaktion titriert. Diesem Schritt voraus geht die vollständige reverse Transkription einer definierten Menge Gesamt-RNA in cDNA. Das Kompetitor-Fragment unterscheidet sich von der "Wildtyp" cDNA von CD95-L durch zusätzliche Basenpaare in der Mitte der Nukleotidsequenz, besitzt jedoch identische flankierende Sequenzen. Deshalb werden Wildtyp- und Kompetitor-Fragment von der gleichen Primer-Kombination erkannt und können zusammen in einer PCR vervielfältigt werden. Bedingt durch die identischen Primer-Bindungsstellen und die ähnlichen Nukleotidsequenzen unterliegen beide Fragmente der gleichen Amplifikationsrate. Der geringe Größenunterschied erlaubt jedoch die Auftrennung beider DNA-Spezies durch Gelelektrophorese nach der PCR. Die Intensitäten der DNA-Banden auf dem Agarosegel reflektieren die ursprünglichen Mengen der cDNA, die in die PCR eingesetzt wurden. Wenn die Ausprägung der CD95-L und der Kompetitor-DNA-Bande auf dem Gel identisch ist, kann geschlossen werden, daß von Kompetitor und CD95-L die gleichen Ausgangskonzentrationen vorlagen. Die Menge der auf diese Weise titrierten CD95-L cDNA spiegelt die Menge der CD95-L mRNA in der Gesamt-RNA wieder, da die reverse Transkription vollständig verläuft. Das Schema der quantitativen PCR-Reaktion ist in Fig. 1 gezeigt.

Der quantitativen PCR liegt folgendes Reaktionsprinzip zugrunde. Zur Quantifizierung der CD95-L-Expressionsrate wird cDNA einer bestimmten Menge revers transkribierter Gesamt-RNA in PCR-Gefäße pipettiert. Jeder Probe mit Ausnahme der Negativkontrolle (-) wird Kompetitor-Fragment in unterschiedlicher Verdünnung, z. B. von 5 bis 10000 fg, zugefügt. Nach der PCR-Reaktion werden die amplifizierten DNA-Fragmente mit Ethidiumbromid behandelt und auf einem Agarosegel aufgetrennt. Die DNA wird durch Bestrahlen des Gels mit UV-Licht sichtbar gemacht. Es wird der Titrationspunkt (in Fig. 1 mit einem Pfeil gekennzeichnet) bestimmt, zu dem sowohl die Bande der CD95-L DNA als auch die Bande der Kompetitor-DNA gleiche Intensitäten aufweisen. Ein gleiches Verhältnis beider Banden zeigt an, daß von der zu bestimmenden DNA und von der Kompetitor-DNA gleiche Mengen amplifiziert worden sind. Demzufolge ist die durch den Titrationspunkt bestimmte Menge an CD95-L cDNA (gleichzusetzen mit der Menge an mRNA) in der eingesetzten Menge Gesamt-RNA vorhanden gewesen.

Die für die PCR synthetisierten Primer basieren vorzugsweise auf der veröffentlichten Sequenz von CD95-L (vgl. Takahashi T. et al., Int. Immunol. 6, (1984), 1547—1567). Die Durchführung der PCR erfolgt unter dem Fachmann bekannten Bedingungen.

Zur Amplifikation des CD95-L Fragmentes (ca. 500 bp) wie auch des Kompetitor-Fragments (ca. 550 bp) können beispielsweise die folgenden Primer verwendet werden:

|                   |   |
|-------------------|---|
| L <sub>up</sub>   | 5'-ATGTTTCAGCTCTTCCACCTACAGA-3' (25 mer, bindet an die Nukleotide 301 bis 325 der CD95-L Sequenz) |
| L <sub>down</sub> | 5'-CCAGAGAGAGCTCAGATACGTTGAC-3' (25 mer, bindet an die Nukleotide 775 bis 799 der CD95-L Sequenz) |

Ferner können zur Herstellung des Kompetitor-Fragments (550 bp) z. B. folgende Primer verwendet werden:

$L_{upOV}$  5'-GGATCCGTACTACAGTGAAATTATGGAAGGGTATCC  
GAGTTCAGGAATTCCAGAGGCATGGACCTTGAGTTGGACTTGCC-3'  
(80-mer, bindet an die Nukleotide 451 bis 480)

$L_{downOV}$  5'-CCTTCCATAATTTCACTGTAGTACGGATCCGAATGGGAAGACA  
CCTATGGAATTGTCC-3'  
(58 mer, bindet an die Nukleotide 481 bis 508)

Das mutierte CD95-L Fragment, das in der PCR als Kompetitor-Fragment eingesetzt wird, wird durch Mutagenese hergestellt, vorzugsweise PCR-Mutagenese. Bei der PCR-Mutagenese dient als Matrize CD95-L cDNA, die z. B. der T-Zell-Linie CEM-S entstammt. Zwei Teile des  $L_{up}/L_{down}$  PCR-Fragments werden amplifiziert, indem in einer PCR das Primerpaar  $L_{up}/L_{upOV}$  (ergibt ein Fragment, das 230 bp lang ist) und in einer zweiten PCR das Primerpaar  $L_{down}/L_{downOV}$  (ergibt ein Fragment, das 349 bp lang ist) verwendet wird. Der Primer  $L_{upOV}$  enthält eine 50 bp lange überhängende Sequenz, die zu einer 30 bp langen überhängenden Sequenz des Primers  $L_{downOV}$  komplementär ist. Nach Aufreinigung werden die beiden Fragmente über ihre komplementären Regionen hybridisiert und als Matrize für eine erneute PCR-Amplifikation mit den Primern  $L_{up}/L_{down}$  verwendet. Das Ergebnis ist ein mutiertes Fragment von CD95-L, das zusätzlich 50 Basen in der Mitte der Nukleotidsequenz enthält. Das Schema der Herstellung des Kompetitor-Fragments ist in Fig. 2 gezeigt.

Das erfindungsgemäße Verfahren auf der Basis einer Konkurrenz zwischen einem Mutantenfragment und einem Wildtypfragment ermöglicht die exakte Bestimmung des intrazellulären Levels von CD95-L in kleinen Probenmengen (1 bis  $5 \times 10^6$  Zellen).

Da die CD95/CD95-L vermittelte Apoptose offensichtlich an einer T-Zelldepletion bei einer AIDS-Erkrankung beteiligt ist, kann die quantitative Bestimmung der Expression von CD95-L zur Verlaufskontrolle und als Indikator für therapeutische Interventionen bei AIDS-Patienten herangezogen werden. Ferner eignet sich das erfindungsgemäße Verfahren in vitro zum "Drug-Screening" für potentielle Medikamente, die virusinduzierte, CD95-vermittelte Apoptose in T-Zellen blockieren können. In gleicher Weise kann bei Erkrankungen mit verminderter Apoptose (z. B. Leukämien) oder gesteigerter CD95-vermittelter Apoptose die quantitative Bestimmung der CD95-Liganden in Zellen zur Krankheitsdefinition, Verlaufskontrolle und zur pharmakologischen Beeinflussung der Ligandenexpression im "Drug Screening" eingesetzt werden. Als unmittelbares Anwendungsgebiet ergibt sich z. B. die Analyse der Wirkung von Medikamenten, wie Azothioprin, Cyclosporin A, Cyclophosphamid, Cortison und Methotrexat, die derzeit zur immunsuppressiven Behandlung von Autoimmunerkrankungen und Transplantatabstoßung eingesetzt werden.

#### Kurze Beschreibung der Zeichnungen

Fig. 1 zeigt ein Schema der erfindungsgemäßen, quantitativen PCR für CD95-L.

Fig. 2 zeigt ein Schema der Herstellung eines Kompetitor DNA-Fragments von CD95-L.

(A) Das Wildtyp-Fragment und seine spezifischen Primer für die PCR-Amplifikation,  $L_{up}$  und  $L_{down}$ , sind dargestellt.

(B) Für die 1. PCR werden  $L_{up}$  und  $L_{upOV}$  benutzt.  $L_{upOV}$  bindet in der Mitte der Sequenz und enthält eine 50 bp lange überhängende Sequenz am 5'-Ende.

(C) Für die zweite PCR werden  $L_{down}$  und  $L_{downOV}$  verwendet. Die letzten 30 bp am 5'-Ende von  $L_{downOV}$  sind überhängend und komplementär zu den letzten 30 bp am 5'-Ende von  $L_{upOV}$ . Die komplementären Regionen sind büstenartig gezeichnet.

(D) zeigt die PCR-Produkte aus der ersten und zweiten PCR, ein 349 und 230 bp langes Stück DNA. Nach Aufreinigung werden beide Fragmente über ihre komplementären Regionen miteinander hybridisiert.

(E) Die in (D) hybridisierten Fragmente werden als Matrize für eine dritte PCR-Reaktion verwendet, bei der wieder  $L_{up}$  und  $L_{down}$  als Primer benutzt werden.

(F) Das Resultat ist ein mutiertes Fragment von CD95-L, das ein 50 bp langes Insert in der Mitte der Sequenz trägt.

Fig. 3 zeigt eine konstitutive und induzierte Expression von CD95-L mRNA in lymphoiden Zellen  
Die vorliegende Erfindung wird durch das folgende Beispiel erläutert:

#### Beispiel

##### Bestimmung von CD95-L in lymphoiden Zellen

Die lymphoiden T-Zellen J16 und CEM-S wurden jeweils in üblichem Medium kultiviert bzw. mit PMA

(5 ng/ml) und Ionomycin (2 µl/ml) für 4 bzw. 24 Stunden behandelt. Aus den Zellen wurde Gesamt-RNA nach der Methode von Chomczynski, P. und Sacchi, N., Anal. Biochem., 162, (1987), 156–159 gewonnen und mit Hilfe von AMV-Reverser Transkriptase (Amersham, Braunschweig) und Oligo-dT1 6 Primern (Promega, Heidelberg) in cDNA umgeschrieben. Eine 20 µl Reaktion enthielt 1x AMV-Puffer (50 mM Tris-HCl, pH 8,3; 8 mM MgCl<sub>2</sub>; 50 mM NaCl; 1 mM DTT), 250 µM eines jeden dNTP (Pharmacia, Freiburg), 0,5 µM Oligo-dT<sub>16</sub>; 0,6 U/µl RNase-Inhibitor (Amersham, Braunschweig); 0,75 U/µl AMV-reverse Transkriptase; 50 ng/µl Gesamt-RNA (vor Zugabe 5 Minuten bei 65°C denaturiert). Die reverse Transkription wurde für 45 Minuten bei 42°C durchgeführt und die Reaktion wurde anschließend durch Erhitzen für 5 Minuten auf 94°C beendet. Da alle Reagenzien im Überschuß vorhanden waren, kann davon ausgegangen werden, daß die eingesetzte RNA vollständig zu cDNA umgeschrieben worden ist.

Zur Quantifizierung der CD95-L Expressionsrate wurde cDNA von je 250 ng revers transkribierter Gesamt-RNA in PCR-Gefäße pipettiert. Jeder Probe mit Ausnahme der Negativkontrolle (–) wurde Kompetitor-Fragment, wie vorstehend beschrieben, in unterschiedlicher Verdünnung von 10 bis 10000 fg zugegeben. Das Reaktionsgemisch umfaßte: 50 µl, enthaltend cDNA (= 250 ng revers transkribierte Gesamt-RNA), 1x PCR-Puffer (10 mM Tris-HCl, pH 8,8; 50 mM KCl, 0,08% NP40), 1 mM MgCl<sub>2</sub>, 200 µM dNTPs, 0,5 pM Primer und 1,12 U/Gefäß Taq-Polymerase (MBI/Fermentas). Die Amplifikation wurde in einem Robozykler (Stratagene) oder einem Biozym-Thermozzykler unter Verwendung der L<sub>up</sub>- und L<sub>down</sub>-Primer, wie vorstehend beschrieben, durchgeführt. Die Reaktionsbedingungen waren 35 Sek. bei 94°C, 90 Sek. bei 56°C und 120 Sek. bei 72°C über 36 Zyklen. 20 µl der PCR-Reaktion wurden durch Elektrophorese auf einem 2% Agarose-Gel aufgetrennt und nach Ethidiumbromidanfärbung durch UV-Licht sichtbar gemacht. Auf dem Gel wurde der Punkt bestimmt, an dem sowohl die Bande der CD95-L DNA als auch die Bande der Kompetitor DNA gleiche Intensitäten aufwiesen. Das Gel ist in Fig. 3 gezeigt. Gleiche Bandenintensitäten, welche identische Mengen Wildtyp- und Kompetitorfragment anzeigen, sind durch Pfeile gekennzeichnet.

Es zeigte sich, daß unbehandelte J16 Zellen 10 fg CD95-L mRNA/250 ng Gesamt-RNA und unbehandelte CEM-S Zellen 50 fg CD95-L mRNA/250 ng Gesamt-RNA exprimierten. Eine PMA/Ionomycin-Behandlung steigerte die Expression von CD95-L mRNA auf 1000 fg/250 ng Gesamt-RNA bei J16-Zellen und auf 5000 fg/250 ng Gesamt-RNA in CEM-S Zellen (vgl. Tabelle 1).

Vorstehende Daten zeigen, daß mit dem erfindungsgemäßen Verfahren CD95-L quantitativ bestimmt werden kann. Damit kann das Ausmaß und/oder der Verlauf von Apoptose, insbesondere bei Erkrankungen, wie AIDS, bestimmt werden.

TABELLE 1

EXPRESSION VON CD95-L mRNA (fg/250 ng GESAMT-RNA) IN LYMPHOIDEN ZELL-LINIEN

|        |       | CO | 4 h P/I | 24 h P/I |
|--------|-------|----|---------|----------|
| T–     | J 16  | 10 | 1000    | 1000     |
| ZELL–  | CEM–S | 50 | 5000    | 250      |
| LINIEN |       |    |         |          |

## Patentansprüche

1. Verfahren zur quantitativen Bestimmung von CD95-Ligand, umfassend die folgenden Verfahrensschritte:

(a) Isolierung von Gesamt-RNA aus Zellen

(b) Umschreibung der Gesamt-RNA von (a) in cDNA durch reverse Transkription, und

(c) Amplifikation der cDNA von (b) und eines CD95-Ligand-Kompetitor-Fragments durch CD95-Ligand spezifische Primer in einer PCR-Reaktion.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die CD95-Ligand spezifischen Primer die folgende Sequenz haben:

L<sub>up</sub>

5'-ATGTTTCAGCTCTTCCACCTACAGA-3'

L<sub>down</sub>

5'-CCAGAGAGAGCTCAGATACGTTGAC-3'

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß die Zellen von einer etablierten Zelllinie oder einem Patienten stammen.  
4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß die Zellen lymphoide T-Zellen sind.  
5 Verwendung des Verfahrens nach Anspruch 1 zur Bestimmung des Ausmaßes und/oder Verlaufs von Apoptose.  
6. Verwendung des Verfahrens nach Anspruch 5, wobei die Bestimmung bei Zellen eines AIDS-Patienten erfolgt.

Hierzu 3 Seite(n) Zeichnungen

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Fig. 1

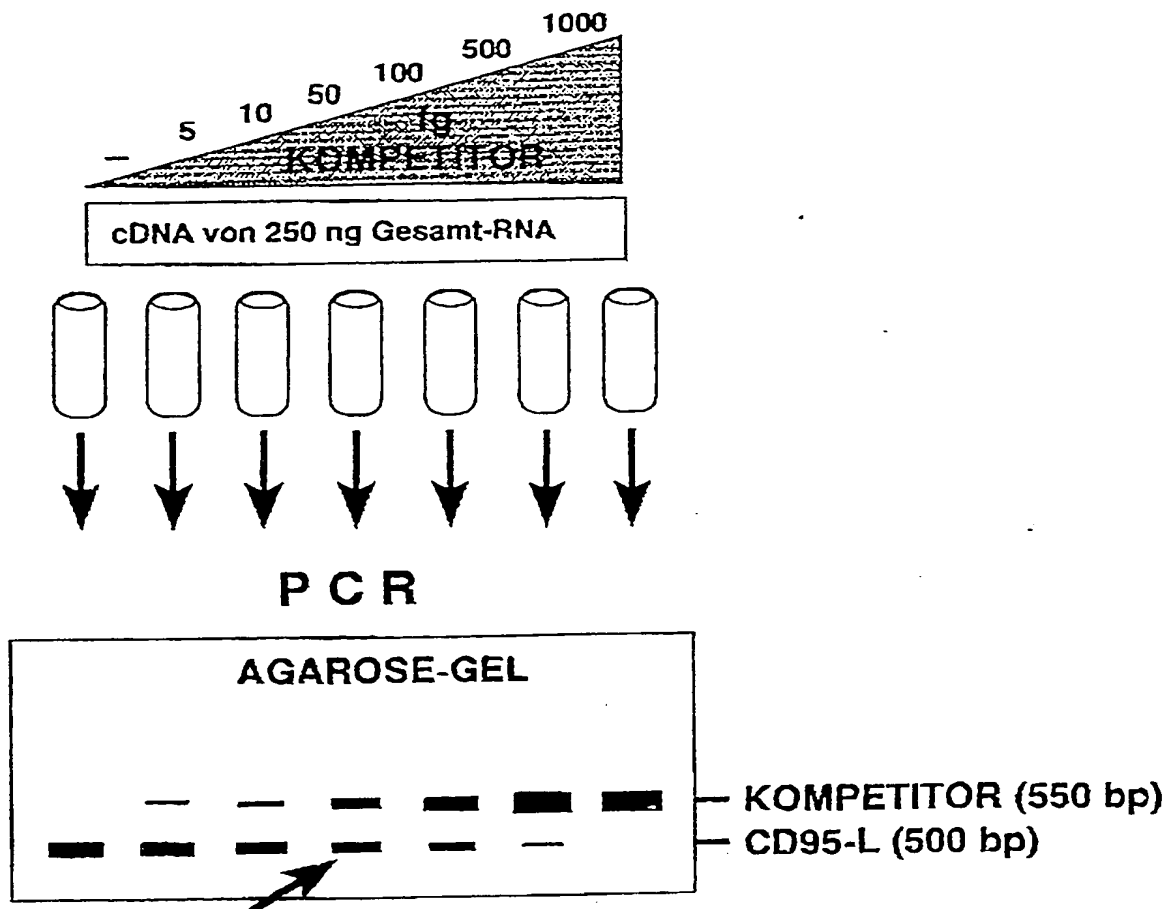


Fig. 2

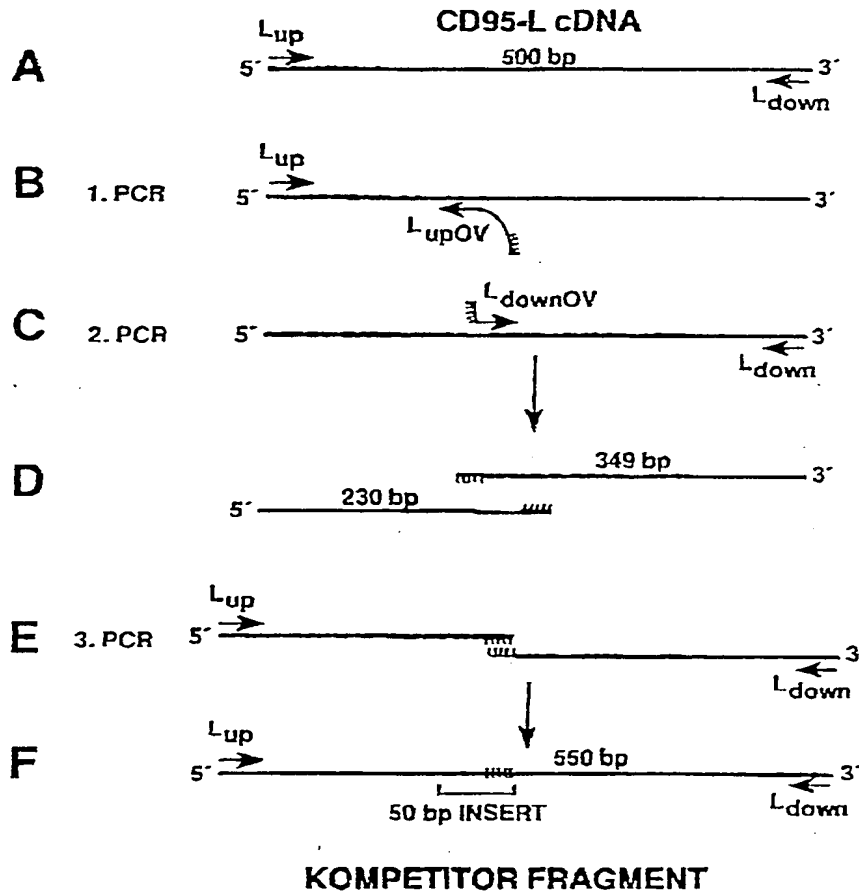


Fig. 3

